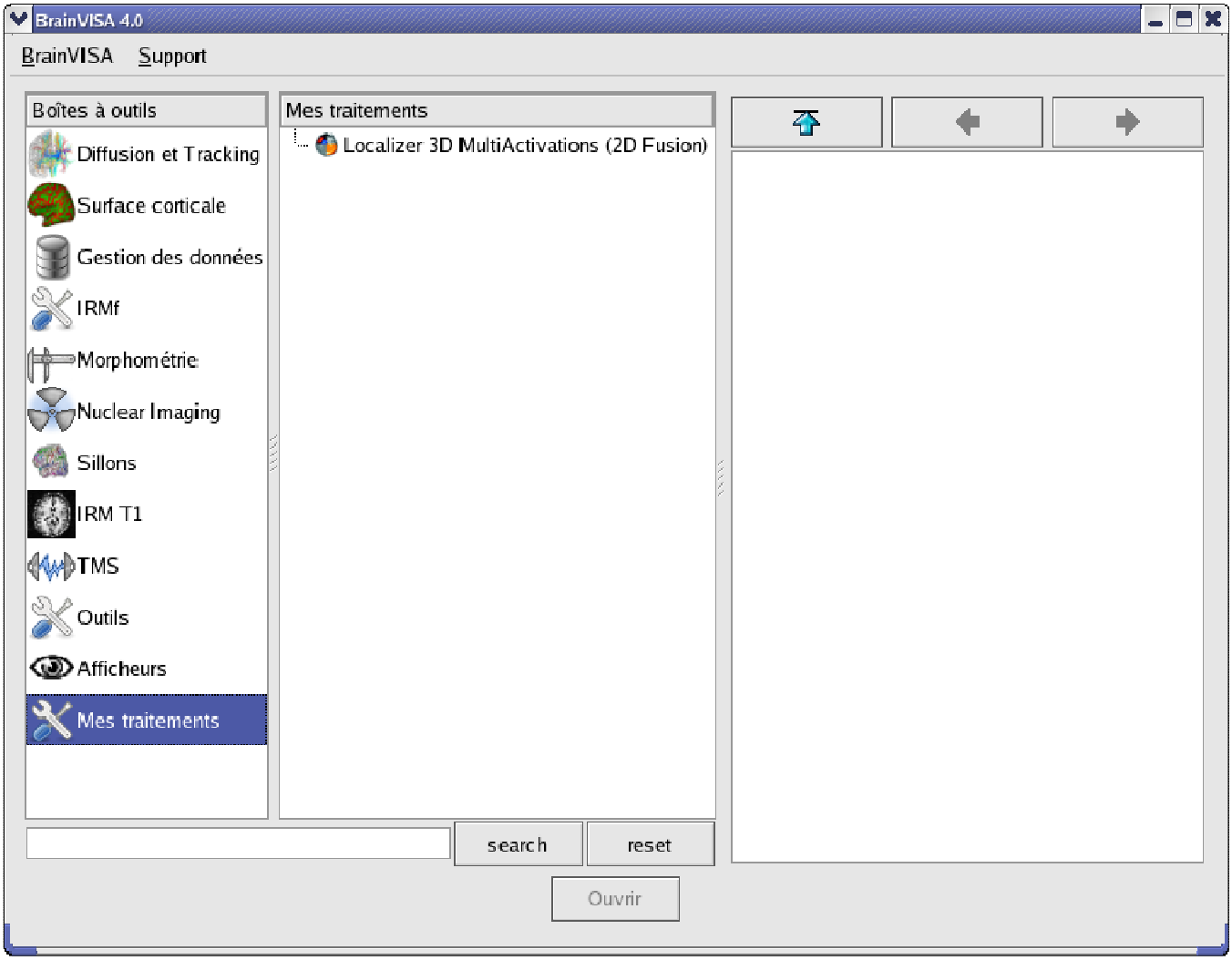
Mode d'emploi du "viewer" sur BrainVISA :
Localizer 3D MultiActivations (2D Fusion)

1) Pour l'instant, tant que le viewer n'a pas été intégré dans BrainVISA, il faut copier le script "localizer_Anatomist3DActivations2DFusion.py" dans le répertoire `~/.brainvisa/processes/`. Si le répertoire n'existe pas, il faut le créer. Voici les commandes à lancer sous Linux pour ce faire:

```
cd ~/.brainvisa/
mkdir processes/
```

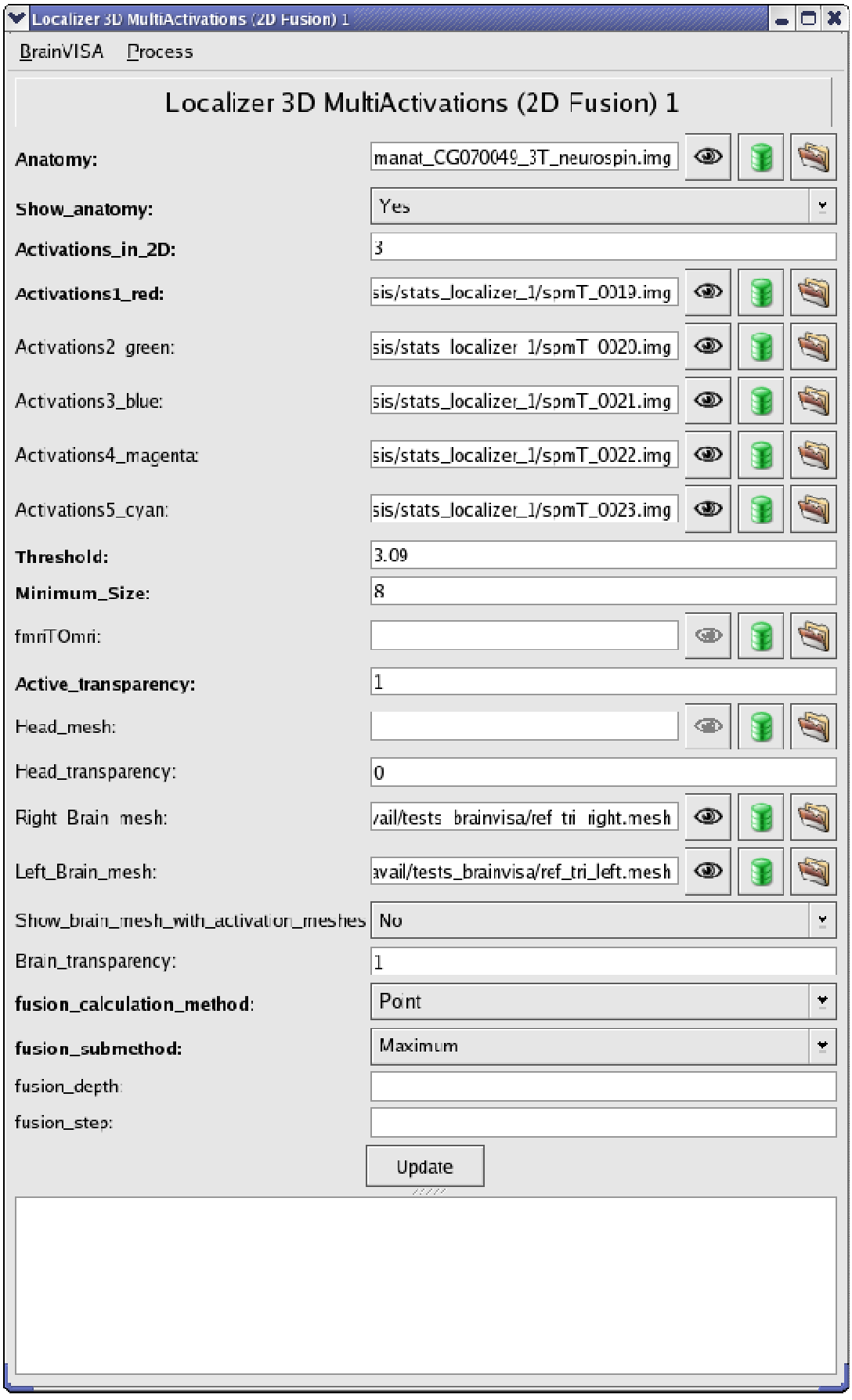
2) Lancer BrainVISA et ouvrir le traitement "Localizer 3D MultiActivations (2D Fusion)" dans "Mes traitements" :



Note : La boîte à outils "Mes traitements" n'apparaît que s'il y a quelque chose dans le répertoire `~/.brainvisa/processes/`.

3) Sur la fenêtre qui s'ouvre, remplir les différents champs :

Voici une explication des différents champs à remplir :



Anatomy → image de l'anatomie (IRM T1) que l'on souhaite afficher

Show_anatomy (Yes/No) – Valeur par défaut : Yes → indique si l'on veut afficher l'anatomie sur l'image des maillages des activations (et les maillages du cerveau)

Activations_in_2D (1, 2 ou 3) – Valeur par défaut : 3 → indique le nombre d'activations que l'on veut afficher sur les coupes 2D avec l'anatomie. La valeur minimale est de 1 (on affiche au moins une activation) et la valeur maximale est de 3, car on considère qu'au-delà de 3 la visualisation devient trop compliquée. Cependant cela pourrait être modifié.

Activations1_red → image d'une activation (contraste). Celle-ci est obligatoire tandis que les autres activations sont optionnelles.

Activations2_green → image de la deuxième activation (contraste)

Activations3_blue → image de la troisième activation (contraste)

Activations4_magenta → image de la quatrième activation (contraste)

Activations5_cyan → image de la cinquième activation (contraste)

Threshold – Valeur par défaut : 3.09 → c'est le seuil pour les activations

Minimum_Size – Valeur par défaut : 8 → c'est la taille minimale que doit avoir un cluster d'activations pour être affiché

fmriTOmri → matrice de transformation entre le référentiel des images fonctionnelles (fMRI) et celui de l'anatomie (MRI)

Active_transparency – Valeur par défaut : 1 (pas transparent) → transparence des activations

Head_mesh → maillage de la tête

Head_transparency → transparence du maillage de la tête

Right_Brain_mesh → maillage de l'hémisphère droit du cerveau (peut être l'interface matière blanche-matière grise ou la surface du cortex)

Left_Brain_mesh → maillage de l'hémisphère gauche du cerveau (peut être l'interface matière blanche-matière grise ou la surface du cortex)

Show_brain_mesh_with_activations (No/Yes) – Valeur par défaut : "No" → indique si l'on veut superposer les maillages du cerveau sur la vue des maillages des activations en 3D

Brain_transparency – Valeur par défaut : 1 (pas transparent) → transparence des maillages du cerveau. Si la valeur est différente de 1, on n'ouvre pas les fenêtres des maillages du cerveau avec l'activation 1 (red) superposée en texture ni la palette pour modifier cette texture.

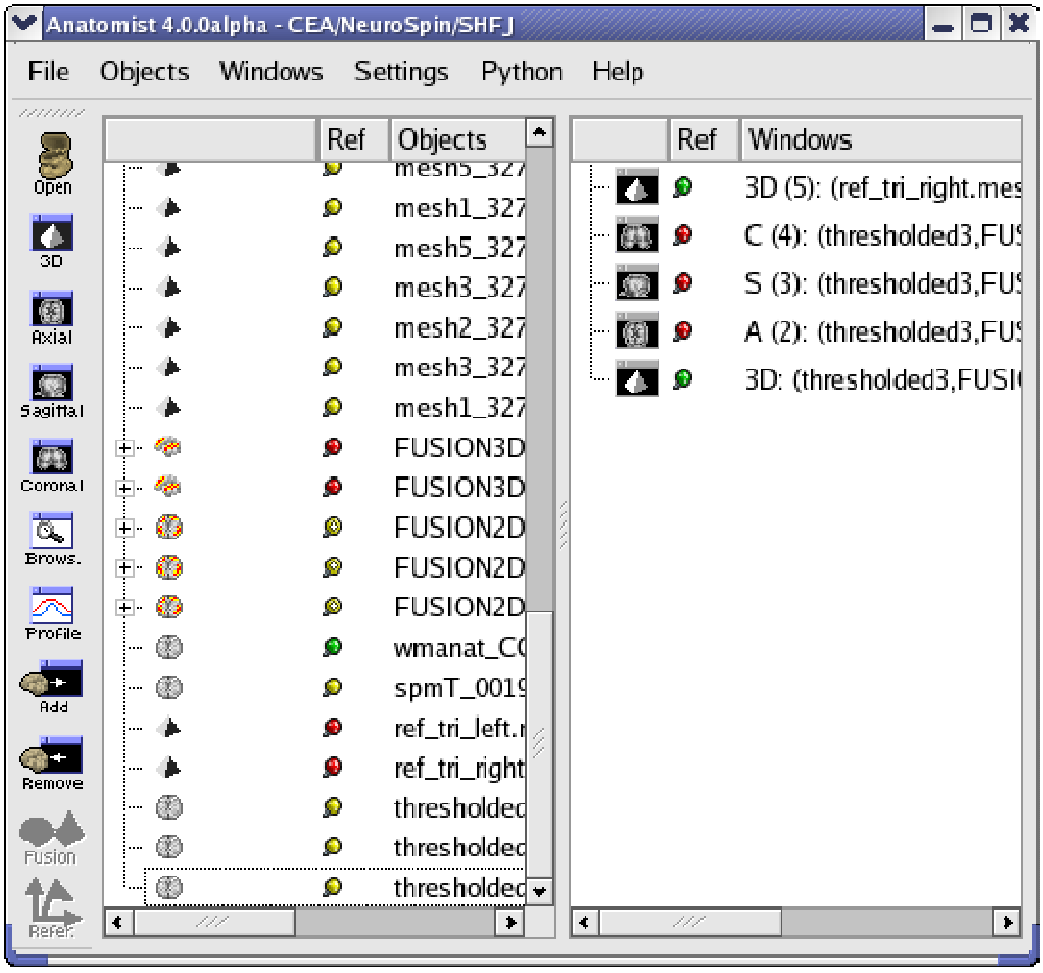
fusion_calculation_method (Point/Point décalé à l'intérieur/Point décalé à l'extérieur/Ligne/Ligne à l'intérieur/Sphère) – Valeur par défaut : Point → indique la méthode utilisée pour la fusion de l'activation 1 (red) sur les maillages du cerveau

fusion_submethod (Maximum/Minimum/Moyenne/Moyenne corrigée/Moyenne rehaussée) – Valeur par défaut : Maximum → c'est la sous-méthode pour la fusion de l'activation 1 (red) sur les maillages du cerveau

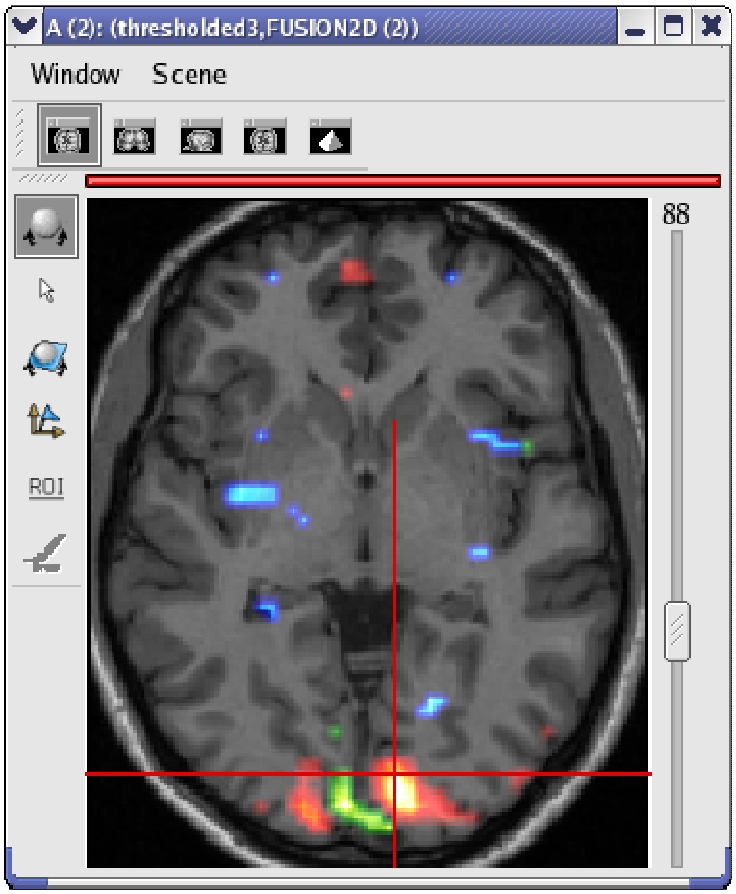
fusion_depth → profondeur de la fusion de l'activation 1 (red) sur les maillages du cerveau

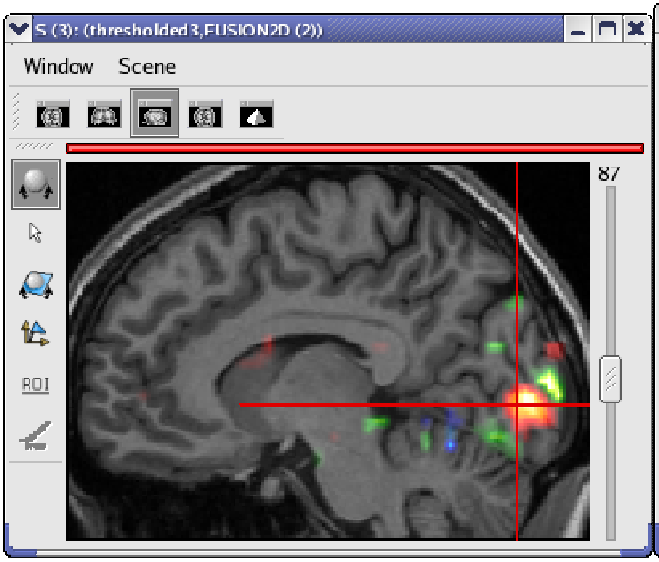
4) Une fois tous les champs obligatoires remplis, lancer la visualisation en appuyant le bouton "Update". Les fenêtres suivantes vont s'ouvrir :

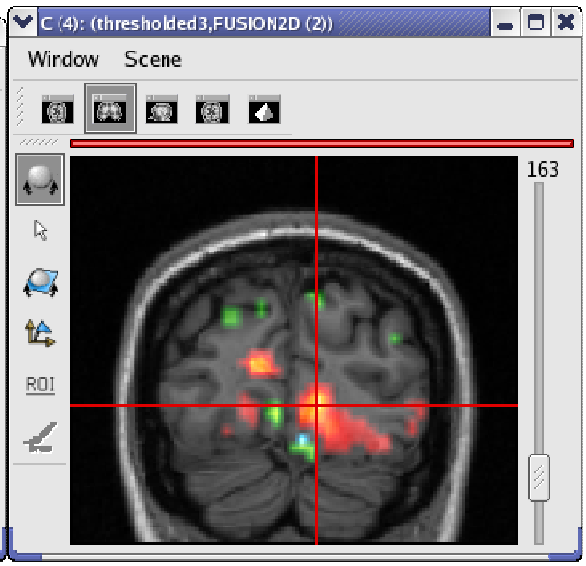
- Fenêtre principale d'Anatomist :



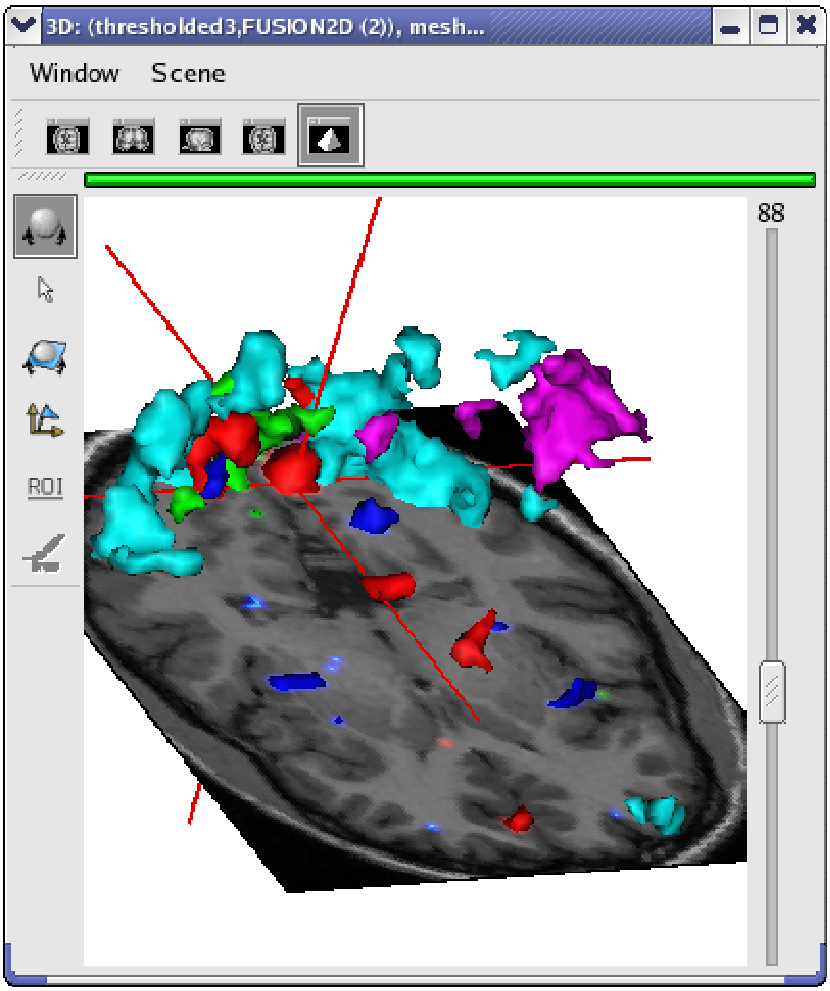
- 3 fenêtres des vues axial, sagittale et coronale de la fusion 2D de l'anatomie avec les activations (1, 2 ou 3 selon la valeur de "Activations_in_2D"). Les couleurs des activations correspondent aux couleurs indiquées sur les champs du traitement (Activations1_red, Activations2_green, Activations3_blue). Pour des raisons de facilité de visualisation, on ne montre ici que jusqu'à 3 activations différentes. Cela pourra être modifié si besoin est.







- 1 fenêtre qui montre (ou pas, selon la valeur du champ "Show_anatomy") l'anatomie du cerveau, les maillages de toutes les activations et les maillages du cerveau en transparence (selon les valeurs des champs "Show_brain_mesh_with_activations" et "Brain_transparency"). Les couleurs des maillages des activations correspondent aux couleurs indiquées sur les champs du traitement (Activations1_red, Activations2_green, Activations3_blue, Activations4_magenta, Activations5_cyan). La transparence des maillages des activations peut être réglée avec le paramètre "Active_transparency".



- Si la valeur de "Brain_transparency" est égale à 1, il y a une autre fenêtre qui montre les maillages du cerveau avec l'activation 1 (red) superposée comme texture (selon les paramètres " fusion_calculation_method", "fusion_submethod" et "fusion_depth"). Dans ce cas, une fenêtre avec la palette des couleurs s'ouvre aussi, pour régler à souhait les couleurs de l'affichage.